

00221-54288660

10 30 50  
CTAGAGCTAGCAGGAGTAACTCTCATGGAACCTTGGAAACCATTCCTTCAATTGAATTTCA  
70 90 110  
GGGCACATTTGAATCAGTACCCAGGGGCACTGTACTATGCTCCCAGCTGGACCTTAGTTT  
130 150 170  
CCTCCTCCTCGTTTCACCCTGTGAGTAATTAACAGACAAAATTTTTTTTTTTTTTTTTT  
190 210 230  
TTTTTTTTTTTTTTTGGCCCTCCAGTGGAGAAGGTGGCCAGTTCTCAGACAGAGGAAGAGT  
250 270 290  
AGAAATCATAAATGAGAGCTGTCTTCATCCAAGGTGCTGAAGAGCACCCCTGCGGCATTCT  
M R A V F I Q G A E E H P A A F C  
310 330 350  
GCTACCAGGTGAATGGGTCTTGCCCCAGGACAGTACATACTCTGGGCATCCAGTTGGTCA  
Y Q V N G S C P R T V H T L I Q L V I  
370 390 410  
TCTACCTGACCTGTGCAGCAGGCATGCTGATTATCGTGCTAGGGAATGTATTTGTGGCAT  
Y L T C A A G M L I I V L G N V F V A F  
430 450 470  
TTGCTGTGTCTTACTTCAAAGCGCTTCACACGCCCACCAACTTCCTGCTGCTCTCCCTGG  
A V S Y F K A L H T P T N F L L L S L A  
490 510 530  
CCCTGGCTGACATGTTTCTGGGTCTGCTGGTCTGCCCTCAGCACCATTCGCTCAGTGG  
L A D M F L G L L V L P L S T I R S V E  
550 570 590  
AGAGCTGCTGGTTCTTCGGGGACTTCCTCTGCCGCTGCACACCTACCTGGACACCCTCT  
S C W F F G D F L C R L H T Y L D T L F  
610 630 650  
TCTGCCTCACCTCCATCTTCCATCTCTGTTTCATTTCCATTGACCGCCACTGTGCCATCT  
C L T S I F H L C F I S I D R H C A I C  
670 690 710  
GTGACCCCTGCTCTATCCCTCCAAGTTCACAGTGAGGGTGGCTCTCAGGTACATCCTGG  
D P L L Y P S K F T V R V A L R Y I L A  
730 750 770  
CAGGATGGGGGGTGGCCGCAGCATACTTCGTTATTCCTCTACACAGATGTGGTAGAGA  
G W G V P A A Y T S L F L Y T D V V E T  
790 810 830  
CAAGGCTCAGCCAGTGGCTGGAAGAGATGCCTTGTGTGGGCAGTTGCCAGCTGCTGCTCA  
R L S Q W L E E M P C V G S C Q L L L N  
850 870 890  
ATAAATTTTGGGGCTGGTTAAACTTCCCTTTGTCTTTGTCCCCTGCCTCATTATGATCA  
K F G W L N F P L F F V P C L I M I S  
910 930 950  
GCTTGTATGTGAAGATCTTTGTGGTTGCTACCAGACAGGCTCAGCAGATTACCACATTGA  
L Y V K I F V V A T R Q A Q Q I T T L S  
970 990 1010  
GCAAAAGCCTGGCTGGGGCTGCCAAGCATGAGAGAAAAGCTGCCAAGACCCTGGGCATTG  
K S L A G A A K H E R K A A K T L G I V  
1030 1050 1070  
TTGTGGGCATATACCTCTTGTGCTGGCTGCCCTTCACCATAGACACGATGGTCGACAGCC  
V G I Y L L C W L P F T I D T M V D S L  
1090 1110 1130  
TCCTTCACTTTATCACACCCCCACTGGTCTTTGACATCTTTATCTGGTTTGCTTACTTCA  
L H F I T P P L V F D I F I W F A Y F N  
1150 1170 1190  
ACTCAGCCTGCAACCCCATCATCTATGTCTTTTCCTACCAGTGGTTTCGGAAGGCACTGA  
S A C N P I I Y V F S Y Q W F R K A L K  
1210 1230 1250  
AACTCACACTGAGCCAGAAGGTCTTCTCACCCGACACGCACTGTTGATTTGTACCAAG  
L T L S Q K V F S P Q T R T V D L Y Q E  
1270 1290 1310  
AATGATTCTTCTACTAAATGCAGGCAAGGAGTAGGACCTCACAGGAAAGATAAGTGGCA  
\*  
1330 1350 1370  
CTGTGACCGCGGGCTGTGTGGTGTGAGTTTGTGGGCATGCTTCCAGGACAGCATGGGTT

325800-451

FIGURE

1 1/1

10f3

# **Homology Comparison** **HDGRC02 X Mu.β-1 Adrenoreceptor**

**Percent Similarity: 55.864    Percent Identity: 32.099**

```

3  AVFIQGAEEHPAAFCYQVNGSCPRTVH.TLGIQLVIYLTCAAGMLIIVLG 51
| :: |..... : . : | | : : | . : | : | : |
30 ARLLVLASPPASLLPPASEGSAPLSQQWTAGMGLLVALI....VLLIVVG 75

52 NVFVAFAVSÝFKALHTPTNFFLLSLALADMFLGLLVLPLSTIRSVESCWF 101
| : | . : . . : | | : : : | | : : | | : : : . . | : |
76 NVLVIVAIAKTPRLQTLTNLFIMSLASADLVMGLLVVFPGATIVVWGRWE 125

102 FGDFLCRLHTYLDTLFCLTSIFHLCFISIDRHCAICDPLLYPSKFTVRVA 151
: | . : | | | : | . . | | | | . : | | . | | . : |
126 YGSFFCELWTSVDVLCVTASIELTLCVIALDRYLAITSPPRYQSLLTRARA 175

152 LRYILAGWGVPAAYTSLFLYTDVVETRLSQWLEEMPCVG...SCQLLNK 198
. : . . | : : | . : . . : . : . | . . . : | : : | :
176 RALVCTVWAIASAL...VSFLPILMHHWRAESDEARRCYNDPKCCDFVTNR 222

199 FWGWLNFPL.FFVPCLIMISLYVKIFVVATRQAQQITTLSKSLAGA.... 243
: : . . : | : | | | : : : | | : | . . . . : | :
223 AYAIASSVVSFYVPLCIMAFAVYLRVFREAQKQVKKIDSCERRFLGGPARP 272

244 .....AKHERKAAKTLGIVVGIY 261
| : . | | | | : : : :
273 PSPEPSPSPGPPRPADSLANGRSSKRRPSRLVALREQKALKTLGIIMGVF 322

262 LLCWLPFTIDTMVDSLLHFITPPLVFDIFIWFAYFNSACNPIIYVFSYQW 311
| | | | | : : : | . : : . : | : | : : | | | | | . | : :
323 TLCWLPFFLANVVKAFHRDLVPDRLFVFFNWLGYANSAPNPIIYCRSPDF 372

312 FRKALKLTLSQKVFSPOTRTVD 333
: : | : : . . . | . .
373 RKAQRLCCARRAACRRRAAH 394

```

000277 54288660

FIGURE 2 1/1  
325800-451

2 of 3

# **Homology Comparison** **HDGRC02 X Hu. D2 receptor**

**Percent Similarity: 58.333    Percent Identity: 32.000**

```

8  GAEHPAAFCYQVNGSCPRTVHTLGIQLVIYILTCAAGMLIIVLGNVFVAF 57
   ... ..: ||| ... ..: ||| ... ..: ||| ... ..: |||
10 DDDLERQNSRPFNGSDGKADRPYNYATLLT..LLIAVIVFGNVLVCM 57
   .
58 AVSYFKALHTPTNFFLLSLALADMFLGLLVPLSTIRSVESCWFFGDFLC 107
   ||| |||:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
58 AVSREKALQTTTNYLIVSLAVADLLVATLVMPWVVYLEVVGWKFVSRHC 107
   .
108 RLHTYLDTLFCLTSIFHLCFISIDRHCAICDPLLYPSKFTVRVALRYILA 157
   : . |||:|:| |||:|:| |||:|:| |||:|:| |||:|:| |||:|:|
108 DIFVTLDVMMCTASILNLCAISIDRYTAVAMPMLYNTRYSSKRRVTVMIS 157
   .
158 .GWGVPAAYTSLFLYTDVVETRLSQWLEEMPCVGCQLLLNKFVGWLNFP 206
   .|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
158 IVWVLSFTISCPLLFG.....LNNADQNECIANPAFVV.....YSSIV 196
   .
207 LFFVPCLIMISLYVKIFVVATRQAQQITT.....LSKSLAGAAKH 246
   |:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
197 SFYVFPFIVTLLVYIKIYIVLRRRRKRVNTRKSSRAFRAHLRAPLKEAARR 246
   .
247 .....ERKAAKTL 254
   |:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
297 EKNGHAKDHPKIAKIFEIQTMPNGKTRTSLKTMSRRKLSQQKEKKATQML 346
   .
255 GIVVGIYLLCWL PFTIDTMVDSLHFITPPLVFDIFIWFAYFNSACNPII 304
   |:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
347 AIVLGVFIIICWLPFFITHILNIHCDNI PPVLYSAFTWLGYVNSAVNPII 396
   .
305 YVFSYQWFRKALKLTL 320
   |. ....|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
397 YTTFNIEFRKAFLKIL 412

```

FIGURE 3  
325800-451

3 of 3